

09864291.052501

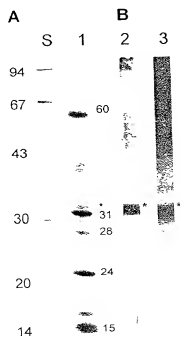


Fig. 1A & 1B

(500 ID NO: 14) 1 CGGCACGAGGCGCGGAGCGCGGCGCTG<sup>1</sup>GSCAGG  
 ID NO: 5) 36 ATG GCA GTG AAC CAG AGC CAC ACC GAG AGC CGT CGT GGG GCG CTC ATC CCC TCT GGC GAA  
 1 M A A N Q S - T E S R R G A L I P S G E  
 96 AGT GTC TTG AAG CAG TGT GAG SAT GTG GAC CTC TGC TTC CTA CAG AAA CCA GTG GAA TCC  
 21 S V L K Q C E D V D L C F L Q P A E S  
 156 TAT CTC TTT AAT GGC ACA AAG AAA GGA AGC TTG TTT CTC ACT TCA TAC GGG GTG CTC TTC  
 41 Y L F N G T K K G T L F L O T S Y R R V V F  
 216 GTG ACT TCA CAG TTA GTC AAT GAC CCC ATG CTT TCT TTT ATG ATG CCG TTT GGC CTG ATG  
 61 V T S H L V N D P M L S F M M P F G L M  
 276 AGT GAC TGC ACC ATT GAA CAA CCA ATT TTT GCC CCC AAC TAC ATT AAA GGA ACC ATT CAG  
 81 S D C T I E Q P I F A P N I I K G T I Q  
 336 GCA GCT CCA GGT GGT GGC TGG GAA GGA CAA GCT GTT TTT AAG TTA TCC TTC AGG AAA GGA  
 101 A A P G G K E G A V F K L S F R K G  
 396 GGT GGC ATC GAA TGT GGC CAA CTG ATG GTA AAT GCT GCC TGT GCT GCT GCC AGA GGA ATT  
 121 G A I E F A Q L M V K A A S A A R R G I  
 456 CCA CTT GGA AGT GTA AAT TAC TGG TTC GAC ACT TCA GGA CTG TAC ATA ATT ACT GTC CCA  
 141 P L G S A N Y W F D T S G L Y I I T V F  
 516 GGG GCT GCA GTG TGC TCC TCA CAG ACA CCT TGT CCA GCA TAT CCA ATT GTG ATC TAT GGA  
 161 G A A V C S S Q T P C P A I P I V I (Y G  
 576 CCC CCA CCA CCA GGA TAT ACT GTC CAA CCA GGG GAA TAT GGA ACT CCA CCA GAA GGA TAT  
 181 P P P P G Y T V Q P G E (Y S T P P E G) (Y  
 636 GGA GCC CAA CCA GGG GGA TAT GGA GCC CCA CCT ATG GGA TAT GGA GCG CCG CCT GTG GGA  
 201 G A Q F S G) (Y G A P P M G) (Y G A P P V G)  
 696 TAT GGA GTC CCA CCT GGG GGA TAT GGA GTC CCA CCT GGG GGA TAT GGA GTC CCA CCT GGG  
 221 (Y G V P P G G) (Y G V P P G G)  
 756 GGA TAT GGA GCC CCT CCT GGG GGA TAT GGA GTC CCA CCT GGG GGA TAT GGT GCC CCA CCT  
 241 G) (Y G A P P G G) (Y G V P P G G) (Y G A P P G)  
 816 GGG GGA TAT GGA GCC CCA CCT GCA GGA TAT GGA GCC CCA CCA GCT GGA AAT GAA GCC CTA  
 261 G G) (Y G A P P A G) (Y G A P P A G) (Y G A P P A G)  
 876 CCC CCT GCA TAT GAA GCT CCA TCT GCT GGA AAT ACA GCT GCC TCT CAC AGA TCT ATG ACA  
 281 P P A Y E A P S A G N T A A S H R S M T  
 936 GCT CAG CAG ACT TCT CTT CCC ACT ACC TCA TCT TCT TAG  
 301 A Q V E S L P T T S S S  
 GTCCATTACCACTTCCAGACT<sup>1</sup>AAACCTTGAGACTCACCAAGAGGGCCTTAAACCTGAAGTCACAGTAAAGAAGG  
 AAGACCTGCTGCTGGTGT<sup>1</sup>AGGTGTTTGTGTCAGCGAGTGTCTGATCTCTCCACACACCTGTGAGGTCTGTGCC  
 TCACAAACCTATGAT<sup>1</sup>GGAGAT<sup>1</sup>CGACTCTTCTTCAAGGAAGGATGCTTGAACACAGACTGCAAGCCAACTAGAGAG  
 ACAGAGATGTGAATGTGCACAT<sup>1</sup>AAACAGTT<sup>1</sup>GGGATGGAGACTGACTCTCTTGAAGAAACAGCTCTCCCTGCTCTGA  
 CTTGAGCAGAAAT<sup>1</sup>AGAAAT<sup>1</sup>CTCTGGAACCT<sup>1</sup>AGAGCTAGGCTCAGCTGCTTAGAGCCCTCGATTAGAGCCTGCTTCTGT  
 TGCAT<sup>1</sup>AAAAA<sup>1</sup>AAAAA<sup>1</sup> 1413) 000000

# A.

```

      10      20      30      40      50      60
PT32  MAVNQSHTESRRGALIPSGESVLKQCEDVDLCFLQKPVESYLFNGTKRGTFLTSTYRVVF
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WBP2  MALANKNHSEGG--GVIVNNTESILMSYDHVELTFNDMKNVSEAFKGTGKGTVYLTPTVRVIF
      10      20      30      40      50

      70      80      90      100     110     120
PT32  VTSHLVNDPMLSFMMFPGLMSDCTIEQPIFAPNYIKGTIQAAPGGGWEGQAVFKLSFRKG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WBP2  LSKG--KDAQSGFMMFFYLMKDCEIKQPVFGANFIRGIVKAAAGGGWEGSASYKLTFTTAG
      60      70      80      90      100     110

      130     140     150     160     170
PT32  GAIEFAQLMVKAASAAARG--IFLGSVNYWFDTSGLYIITVPGAACVSSQTPC ----313
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WBP2  GAIEFGQNMQLQVASQASRGSEVINGAVGYFYMESGAVVFPPP ----VANGMYPC ----261
      120     130     140     150     160

```

(SEQ ID NO: 19)

(SEQ ID NO: 17)

# B.

```

      10      20      30      40      50      60
PT32  MAVNQSHTESRRGALIPSGESVLKQCEDVDLCFLQKPVESYLFNGTKRGTFLTSTYRVVF
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WBP2  MAVNQSHTESRRGALIPSGESVLKQCEDVDLCFLQKPVESYLFNGTKRGTFLTSTYRVVF
      10      20      30      40      50      60

      70      80      90      100     110     120
PT32  VTSHLVNDPMLSFMMFPGLMSDCTIEQPIFAPNYIKGTIQAAPGGGWEGQAVFKLSFRKG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WBP2  VTSHLVNDPMLSFMMFPGLMSDCTIEQPIFAPNYIKGTIQAAPGGGWEGQAVFKLSFRKG
      70      80      90      100     110     120

      130     140     150     160     170     180
PT32  GAIEFAQLMVKAASAAARGIFLGSVNYWFDTSGLYIITVPGAACVSSQTPCPAYPIVIVG
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WBP2  GAIDFAQLMAKASAAAGVPLRVASFWMGLGIYVIT--GDR--NMYAP-QAYQVA-YG
      130     140     150     160     170

      190     200     210     220
PT32  PPGGYTVQPGSEYGTPEGYGAQPGGYGAPFPGGYGVP-PG-----
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WBP2  APPAGYGASPVGYGVPFAGYGAFFAGYGVVAPSGYDVLPEGYGAVRYGSPPLY
      180     190     200     210     220     230

      230     240     250     260
PT32  ---GYGVPPGGYGVPPGGYGAFFPGGYGVP-----PGGYGAPPGGYGAFF
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WBP2  VATPMGYGVPPPGYGPFPVRYGSPPGYGAFFPGGYGVP-----PGGYGAPPGGYGAFF
      240     250     260     270     280     290

      270     280     290     300     310
PT32  AGYGAPPAGNEALPP-----AYEAPFAGNTAASHRSMTAQQ---ETSLPTSSS---
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
WBP2  MGYGTPPSGRESLPPGSKATSVQAEAPAGSEAGHFMVAVQNPFGQASFPPTSSSSQVHS
      300     310     320     330     340     350

```

PT32 ---- (SEQ ID NO: 5)

WBP2 PRSKM (SEQ ID NO: 18)

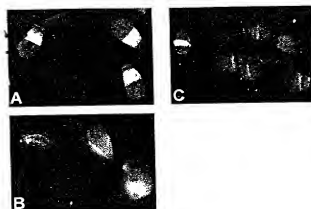


09864291.052501

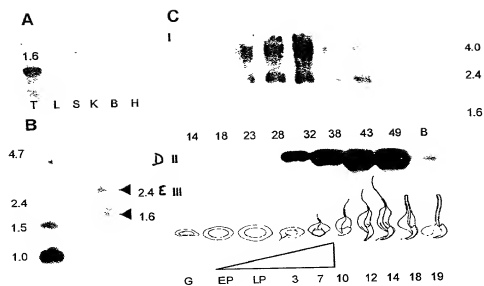


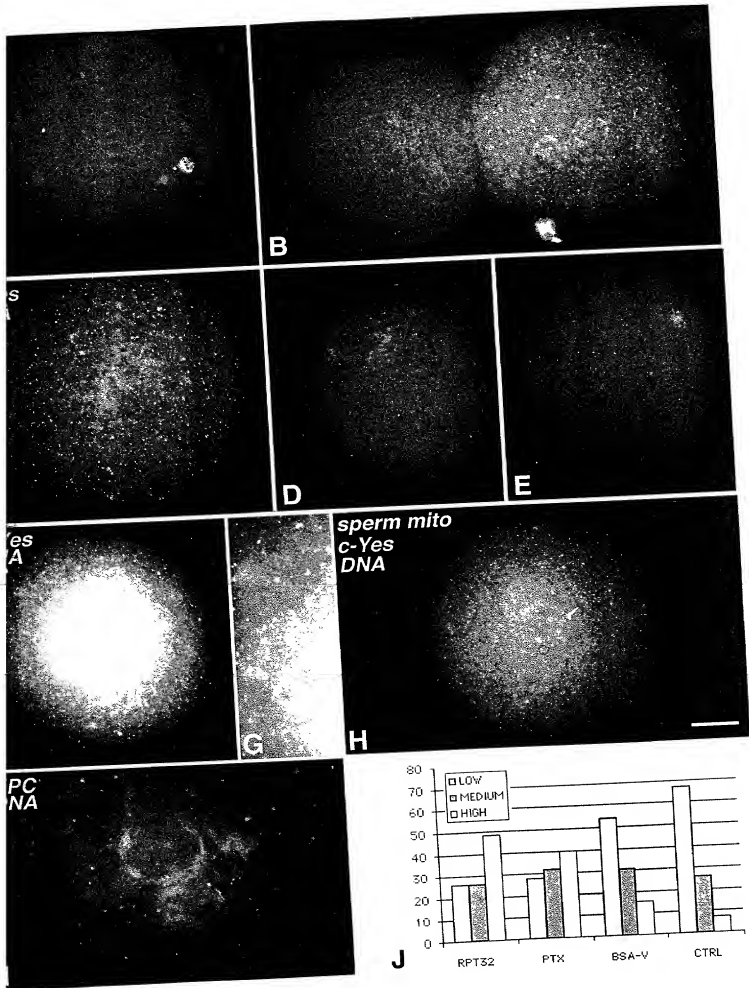
FIGS 5A-5D

03864291.052507



Figs 6A-6C





Figs 8A-8J



no injection

DNA  
CG

A

+c-Yes

B

+c-Yes/PT32

D

+buffer

F

C

E

G

09864291.052501  
105250.16249860

Figs 9A-9G

0364294-052504

1 mgcikskek kmamkyztdn tpepissvhs hygsdssgat gspalkgsav nfnshamtp  
61 gqpsgmtpfq gasssfavp spypstltgg vtvtvalydy aarttdlef kkgerrfqln  
121 ntegdwwear saatgktqyi panyvapads iqaeewyfgk mqrkdaerll lnpgnqrglf  
181 lvresettkg ayslsirdwd evrgdnvkhy kirkldnggy yittraqfes lqklvkhyre  
241 hadglchklm tvcptvkpqt gglakdaweel preslrlevk lggcfcgevw mgtwngttkv  
301 aiktikpgtm mpeafiqeag imkklrhdcl vpiyavvsee piyivtefmt kgalldfike  
361 qegkflklpq lvdmaaqiad gmayiermny ihrdlraani lvgdnlvcki adfglarlie  
421 dneytarqga kfpikwtape aalygrftik sdvwsfgill telvtkgrvp ypgmvrnrevl  
481 eqvergyrmp cpqgcpselh elmklcwkkd pderptfeyl qsfledyfta tepqyqpgdn  
541 1

(EQ ID NO: 20)

Fig 10